

## Секция «Биоинженерия и биоинформатика»

### Корреляции замен в последовательностях транскрипционных факторов подсемейства CueR и их сайтах связывания

**Жаров Илья Алексеевич**

Аспирант

Институт проблем передачи информации им. А. А. Харкевича РАН, , Москва,  
Россия

E-mail: peshwalk@mail.ru

В семейство транскрипционных факторов MerR входят в числе прочих белки, активирующие транскрипцию генов устойчивости к тяжелым металлам: ртути, меди, цинку, свинцу, кадмию, золоту. К ним относятся белки подсемейства CueR: CueR, CopR, HmrR и их гомологи. Данные транскрипционные факторы были ранее изучены у ряда гамма- и альфа-протеобактерий как экспериментальными методами, так и методами сравнительной геномики. Палиндромный мотив связывания этих белков длины 21 п.н. имеет консенсус ACCTTCCC-(5)-GGGAAGGT.

В данной работе идентифицирован 261 транскрипционный фактор подсемейства CueR. Для исследования были отобраны потенциальные сайты связывания, расположенные в одном локусе с геном регулятора. Такие сайты обнаружены для 238 белков. Диаграмма Лого данных сайтов приведена на рисунке. Среди них для 88 белков обнаружено более одного сайта связывания. Затем был проведен анализ корреляции замен в последовательностях факторов транскрипции и соответствующих им сайтах связывания. Интересно, что замены в позициях 9 и 13 сайта связывания наиболее коррелированы с заменами в аминокислотных последовательностях белков. Эти позиции неконсервативны (см. рис.), и в более ранних исследованиях они не учитывались при поиске и анализе сайтов связывания подсемейства CueR.

### Литература

1. Rademacher C., Masepohl B. Copper-responsive gene regulation in bacteria // Microbiology. 2012. № 148 Pt 10, p. 2451-2464.
2. Permina E.A., Kazakov A.E., Kalinina O.V., Gelfand M.S. Comparative genomics of regulation of heavy metal resistance in Eubacteria // BMC Microbiology. 2006 № 6, p.49.

### Слова благодарности

Автор благодарен д.б.н. М. С. Гельфанду за ценные советы и указания

### Иллюстрации

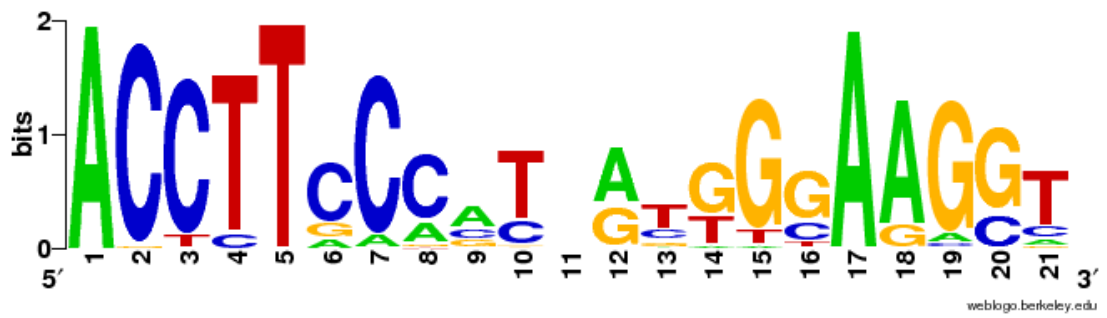


Рис. 1: Диаграмма Лого сайтов связывания транскрипционных факторов подсемейства CueR